

Nueva clasificación de riesgo de las variantes del SARS-CoV-2

25 March 2021

Los Centros para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC) de Estados Unidos y la Organización Mundial de la Salud (OMS) han establecido nuevos criterios para clasificar las variantes del SARS-CoV-2, el virus que causa la COVID-19.

Variantes genéticas del SARS-CoV-2

Variante	Identificada por primera vez en:	¿Más contagiosa?	Capacidad para evadir la vacuna	Clasificación CDC/OMS
B.1.1.7	Reino Unido	Sí	Mínima	Variante de preocupación
B.1.351	Sudáfrica	Sí	Moderada	Variante de preocupación
P.1	Brasil	Sí	Moderada	Variante de preocupación
B.1.526	Estados Unidos	Desconocido	Potencial	Variante de interés
B.1.525	Estados Unidos	Desconocido	Potencial	Variante de interés
P.2	Brasil	Desconocido	Potencial	Variante de interés

B.1.427	Estados Unidos	Sí	Moderada	Variante de interés
B.1.429	Estados Unidos	Sí	Moderada	Variante de interés
P.3	Filipinas	Desconocido	Desconocida	En investigación
A.23.1 con E484K	Uganda	Desconocido	Desconocida	En investigación
B.1.1.7 con E484K	Reino Unido	Desconocido	Desconocida	En investigación
B.1.525	Reino Unido	Desconocido	Desconocida	En investigación
B1.1.318	Desconocido	Desconocido	Desconocida	En investigación
B1.324.1 con E383K	Desconocido	Desconocido	Desconocida	En investigación
B.1.111 con E383K y 429S	Colombia	Desconocido	Desconocida	Desconocida

Fuentes: Rappler.com, CDC.gov, Health.com, WHO Weekly Epidemiological Update, Public Health England

Las nuevas designaciones son: variante de interés, variante de preocupación y variante de gran consecuencia.

- Una variante de interés ha causado grupos discretos de infección en Estados Unidos o en otros países, o parece estar impulsando aumento en los casos. También tiene cambios genéticos que sugieren que podría ser más contagiosa o

que pueden ayudarlo a escapar de la inmunidad conferida por la infección natural o la vacunación. Es posible que los tratamientos y las pruebas no funcionen tan bien en su contra. CDC observa tres de estas variantes.

- Se ha demostrado a través de la investigación científica que una variante de preocupación es más contagiosa o causa enfermedad más grave. También puede reducir la eficacia de los tratamientos y las vacunas. Las personas que previamente han tenido COVID-19 pueden volver a infectarse con la nueva cepa. CDC rastrea cinco de estas variantes.
- Una variante de gran consecuencia provocaría enfermedad más grave y mayor número de hospitalizaciones. También se ha demostrado que derrota las contramedidas médicas, como las vacunas, los fármacos antivirales y los anticuerpos monoclonales. Hasta ahora ninguna de las variantes cumple con esta definición.

Al seguir los nuevos criterios, los CDC señalaron que estaban lanzando una amplia red para designar variantes de interés, pero que se requerirían pruebas más sólidas antes de categorizarlas como una variante de preocupación.

"Los CDC están alineados con el enfoque de la OMS en el sentido de que el umbral para designar una variante de interés debe ser relativamente bajo con el fin de monitorear variantes potencialmente importantes. Sin embargo, el umbral para designar una variante de interés debe ser alto, a fin de concentrar los recursos en las variantes con las mayores implicaciones para la salud pública", señaló un portavoz de los CDC.

Anteriormente los CDC clasificaban las variantes, pero eso está a punto de cambiar. En el futuro se tomarán las decisiones finales sobre a qué variantes es importante prestar atención en consulta con el nuevo Grupo Interagencial sobre variantes del SARS-CoV-2, que incluye expertos de *National Institutes of*

Health, Food and Drug Administration, Department of Defense, Biomedical Advanced Research and Development Authority y Department of Agriculture.

Se necesita con urgencia un grupo de trabajo, indicó el Dr. Michael Diamond, Ph. D., director asociado del *Center for Human Immunology and Immunotherapy Programs* en la *Washington University School of Medicine* de St. Louis en Estados Unidos.

Los CDC se han visto afectados en los últimos años por recortes presupuestarios e interferencia política, y actualmente no tienen la fuerza necesaria para responder con la rapidez y la energía necesarias, según científicos familiarizados con el esfuerzo.

Las nuevas categorías ayudarán a aclarar lo que se conoce sobre los virus en circulación, así como a explicar el riesgo. "Debe haber alguna superestructura para lidiar con esto", añadió el Dr. Diamond, quien está involucrado a través de un grupo de trabajo en los *National Institutes of Health*. El Dr. Diamond dijo que entre 50 y 100 científicos se han unido a algunas convocatorias en las que ha participado.

"Necesitamos hacer esto porque debemos poder coordinar la vigilancia con las pruebas *in vitro*, con las pruebas en animales con la industria para acceder a sus tratamientos y sus vacunas, y poder proporcionar retroalimentación y volver a probarlas a lo largo del tiempo. Esto no se puede lograr solo mediante la colaboración académica *ad hoc* ni con solo una agencia", destacó.

"Supongamos que los CDC dicen: 'Identificamos una variante que está surgiendo en Iowa con mucha frecuencia'. Bien, los CDC no tienen las instalaciones para probar rápida y oportunamente si esa variante realmente es significativa o no", puntualizó el Dr. Diamond.

"Así que tenemos que resolver eso. Esto debe iniciar una serie de experimentos que se realizarían a través de agencias académicas, gubernamentales y no gubernamentales, mediante las cuales podríamos probar esa variante, generar

seudovirus recombinantes, virus recombinantes y proteínas de pico recombinantes", agregó el Dr. Diamond.

Los experimentos con animales ayudarían a evaluar si aumenta las tasas de infección o disminuye el efecto de las vacunas o los fármacos. De ser así, se tomarían decisiones "sobre la manera en que vamos a responder en el contexto de la modificación de fármacos, tratamientos o vacunas existentes".

Luego el gobierno se coordinaría con las empresas farmacéuticas.

Seguimiento de variantes emergentes

Más allá de las nuevas designaciones de CDC/OMS, *Public Health England*, la contraparte de los CDC de Estados Unidos, está utilizando una clasificación adicional para las variantes bajo investigación que se han identificado recientemente y son objeto de estudios en curso, pero los científicos aún no saben nada sobre su importancia para la salud pública.

Public Health England acaba de anunciar que investiga la variante emergente P.3, que se detectó por primera vez en Filipinas.

Investigadores en Colombia publicaron un estudio sin revisión por pares, que describe una nueva variante de B.1.111 con mutaciones en su proteína de la espícula en L249S y E484K. Esas dos mutaciones han ayudado a otros virus a escapar de los anticuerpos creados por el cuerpo en respuesta tanto a las vacunas como a las infecciones naturales.^[1]

Santé Publique France también anunció un nuevo grupo de casos relacionados con un hospital en la región de Bretaña, causados por una nueva variante en el clado 20C. La variante identificada en Francia tiene nueve mutaciones en su proteína de la espícula y no se detectó mediante la prueba de reacción en cadena de la polimerasa, lo que sugiere que los cambios evitan que sea detectada por esas pruebas.

Mantener las variantes en perspectiva

Cuando un virus muta o adquiere un cambio en su código genético esto crea una variante. Es simplemente una versión del virus diferente del virus que lo creó.

Las variantes surgen con frecuencia y, generalmente, no son dañinas para los humanos.

Ocasionalmente un cambio o grupo de cambios ayudará a una versión del virus a superar a otras variantes. Por ejemplo, podría reproducirse más rápidamente o desarrollar una forma diferente o más eficiente de infectar células. A veces un cambio modifica su estructura lo suficiente para que los anticuerpos que produce nuestro sistema inmunológico no se adhieran a este. Cuando eso sucede pueden surgir más infecciones o enfermedades más graves.

Es posible que las compañías farmacéuticas deban modificar los fármacos y las vacunas para mantenerse al día.

Variantes de preocupación

Hasta ahora los CDC están rastreando cinco variantes de preocupación: la variante B.1.1.7, identificada por primera vez en el Reino Unido; P.1, detectada por primera vez en Japón y Brasil; B.1.351, reportada por primera vez en Sudáfrica, y B.1.427 y B.1.429, que se han extendido en California.

Actualmente la vigilancia de estas variantes es limitada. Estados Unidos realiza relativamente poca vigilancia genómica del virus, en comparación con otros países, como Reino Unido.

La variante B.1.1.7 es al menos un 50% más contagiosa que las versiones anteriores del virus. Ha causado importantes olas de COVID-19 en Reino Unido, Israel y Europa. Hasta el 16 de marzo los CDC reportaron que se han detectado 4.686 casos en Estados Unidos y abarcan los 50 estados.

Los laboratorios han detectado 142 casos de la variante B.1.351. Estos provienen de 25 estados. Ha habido como mínimo 27 casos de la variante P.1 en al menos 12 estados. Los estudios han demostrado que las vacunas actuales son menos efectivas contra estas dos variantes. Tampoco son tan vulnerables a algunos de los tratamientos con anticuerpos monoclonales que se han desarrollado. Al igual que B.1.1.7, B.1.351 parece ser aproximadamente 50% más contagiosa.

Las variantes B.1.427 y B.1.429 parecen ser aproximadamente un 20% más contagiosas que las versiones anteriores del virus. También pueden reducir ligeramente la eficacia de las vacunas y el tratamiento. Sin embargo, la inmunidad generada por las vacunas es tan fuerte que no se espera que esta reducción impida que sean efectivas para prevenir infecciones o reducir la transmisión del virus.

Esta noticia fue publicada originalmente en [Medscape.com](https://www.medscape.com) y adaptada para [Medscape en español](#), parte de la Red Profesional.

References

1. Laiton-Donato K, Usme-Ciro JA, Franco-Muñoz C, Álvarez-Díaz DA, y cols. Novel highly divergent SARS-CoV-2 lineage with the Spike substitutions L249S and E484K. medRxiv. 15 Mar 2021. doi: <https://doi.org/10.1101/2021.03.12.21253000>. [Fuente](#)